

9598-066

(SHEET 1 OF 16)

ACGTTGACAC AGGAATGAAG AGTGTATTGG CTGAATCTTC AAGCAGAGGC GATATTGACC ATGTGCTTT TAAATTGGCC TGCCTGACCC GCCCCACTGG TGAAAAGAA GAACCGGCCA AAGGGAGGGC CTGAAGGACC TCCACAGGAG TGTGAGCAGC ACTGCTTCAG CAACAAAGCC TCAGGTCCAC ATCTTGGAA GAAT ATG GCC ACT TCC TGG GGG GCT GTC TTC	60 120 180 231
Met Ala Thr Ser Trp Gly Ala Val Phe 1 5	
ATG CTG ATC ATA GCC TGC GTT GGC AGC ACT GTC TTC TAC AGA GAA CAG Met Leu Ile Ile Ala Cys Val Gly Ser Thr Val Phe Tyr Arg Glu Gln 10 15 20 25	279
CAG ACC TGG TTT GAA GGT GTC TTC TTG TCT TCC ATG TGC CCC ATT ATT Gln Thr Trp Phe Glu Gly Val Phe Leu Ser Ser Met Cys Pro Ile Asn 30 35 40	327
GTC AGT GCC GGC ACC TTT TAT GGA ATT ATG TTT GAT GCG GGC AGC ACT Val Ser Ala Gly Thr Phe Tyr Gly Ile Met Phe Asp Ala Gly Ser Thr 45 50 55	375
GGA ACT CGG ATT CAT GTT TAC ACT TTT GTG CAG AAA ACA GCA GCA GGA CAG Gly Thr Arg Ile His Val Tyr Thr Phe Val Gln Lys Thr Ala Gly Gln 60 65 70	423
CTC CCC TTT CTG GAA GGT GAA ATT TTT GAT TCT GTG AAG CCG GGA CTT Leu Pro Phe Leu Glu Gly Ile Phe Asp Ser Val Lys Pro Gly Leu 75 80 85	471
TCT GCT TTT GTG GAT CAG CCC AAA CAG GGT GCT GAG ACT GTC CAG GAG Ser Ala Phe Val Asp Gln Pro Lys Gln Gly Ala Glu Thr Val Gln Glu 90 95 100 105	519
CTC TTG GAG GTG GCC AAA GAC TCG ATC CCC AGA AGC CAC TGG GAA AGG Leu Leu Glu Val Ala Lys Asp Ser Ile Pro Arg Ser His Trp Glu Arg 110 115 120	567
ACC CCG GTG GTT CTG AAA GCA ACG GCC GGA CTC CGT TTG CTG CCT GAG Thr Pro Val Val Lys Ala Thr Ala Gly Leu Arg Leu Leu Pro Glu 125 130 135	615
CAG AAA GCC CAG GCT CTG CTC TTG GAG GTA GAG GAG ATC TTC AAG AAT Gln Lys Ala Gln Ala Leu Leu Glu Val Glu Ile Phe Lys Asn 140 145 150	663
TCA CCT TTC CTG GTC CCA GAT GGC AGC GTT AGC ATC ATG GAT GGG TCC Ser Pro Phe Leu Val Pro Asp Gly Ser Val Ser Ile Met Asp Gly Ser 155 160 165	711
TAT GAA GGC ATA CTA GCC TGG GTT ACC GTG AAC TTT CTA ACA GGT CAG Tyr Glu Gly Ile Leu Ala Trp Val Thr Val Asn Phe Leu Thr Gly Gln 170 175 180 185	759
CTG CAT GGT CGT GGC CAG GAG ACT GTG GGG ACC CTT GAC CTG GGG GGT Leu His Gly Arg Gly Gin Glu Thr Val Gly Thr Leu Asp Leu Gly Gly 190 195 200	807
GCC TCC ACC CAA ATC ACG TTT CTA CCC CAG TTT GAG AAA ACC CTG GAA Ala Ser Thr Gln Ile Thr Phe Leu Pro Gln Phe Glu Lys Thr Leu Glu 205 210 215	855
CAA ACA CCT AGG GGC TAC CTC ACT TCC TTT GAG ATG TTT AAC AGC ACT Gln Thr Pro Arg Gly Tyr Leu Thr Ser Phe Glu Met Phe Asn Ser Thr 225 230	903

FIG. 1

9598-066

SHEET 2 OF 16

TTT AAG CTC TAT ACA CAT AGT TAC TTG GGA TTT GGA CTG AAA GCT GCA Phe Lys Leu Tyr Thr His Ser Tyr Leu Gly Phe Gly Leu Lys Ala Ala 235 240 245	951
AGA CTG GCA ACT CTG GGA GCC CTG GAA GCA AAA GGG ACT GAT GGA CAT Arg Leu Ala Thr Leu Gly Ala Leu Glu Ala Lys Gly Thr Asp Gly His 250 255 260 265	999
ACG TTT CGA AGT GCC TGT TTA CCA AGA TGG TTG GAA GCA GAG TGG ATC Thr Phe Arg Ser Ala Cys Leu Pro Arg Trp Leu Glu Ala Glu Trp Ile 270 275 280	1047
TTT GGG GGT GTG AAA TAC CAG TAT GGT GGT AAC CAA GAA GGG GAG ATG Phe Gly Gly Val Lys Tyr Gln Tyr Gly Gly Asn Gln Glu Gly Glu Met 285 290 295	1095
GGC TTT GAA CCC TGC TAT GCG GAA GTG CTG AGG GTA GTA CAG GGG AAA Gly Phe Glu Pro Cys Tyr Ala Glu Val Leu Arg Val Val Gln Gly Lys 300 305 310	1143
CTT CAC CAG CCA GAA GAA GTC CGA GGA AGC GCC TTC TAC GCT TTC TCT Leu His Gln Pro Glu Glu Val Arg Gly Ser Ala Phe Tyr Ala Phe Ser 315 320 325	1191
TAC TAC TAC GAT CGA GCC GCT GAC ACA CAC TTG ATC GAT TAT GAA AAG Tyr Tyr Tyr Asp Arg Ala Ala Asp Thr His Leu Ile Asp Tyr Glu Lys 330 335 340 345	1239
GGC GGG GTT TTA AAA GTT GAA GAT TTT GAA AGA AAA GCC AGA GAA GTG Gly Gly Val Leu Lys Val Glu Asp Phe Glu Arg Lys Ala Arg Glu Val 350 355 360	1287
TGT GAC AAC TTG GGG AGC TTC TCC TCG GGC AGT CCT TTC CTC TGC ATG Cys Asp Asn Leu Gly Ser Phe Ser Ser Gly Ser Pro Phe Leu Cys Met 365 370 375	1335
GAC CTC ACT TAC ATC ACA GCC CTG TTG AAA GAT GGT TTG GGC TTT GCC Asp Leu Thr Tyr Ile Thr Ala Leu Leu Lys Asp Gly Leu Gly Phe Ala 380 385 390	1383
GAA CGG CAC CCT CTT ACA GCT CAC AAA GAA AGT GAA CAA CAT AGA GAC Glu Arg His Pro Leu Thr Ala His Lys Glu Ser Glu Gln His Arg Asp 395 400 405	1431
TGG TTG GGC CTT GGG GGC CAC CTT TCA CCT GCT CCA GTC TCT GGG CAT Trp Leu Gly Leu Gly His Leu Ser Pro Ala Pro Val Ser Gly His 410 415 420 425	1479
CAC CAG CTG AGG CCA AGC TCC ACC TCT GAA GCC TGC ATT TCT GAA CCA His Gln Leu Arg Pro Ser Ser Thr Ser Glu Ala Cys Ile Ser Glu Pro 430 435 440	1527
GTT TTC TCA CAG GAA GGC GTG GAC TCA GAG ACA TTT TCT GAC CTC TCT Val Phe Ser Gln Glu Gly Val Asp Ser Glu Thr Phe Ser Asp Leu Ser 445 450 455	1575
GGA AAA GCC TGG CCC GAA ACC CGT TAACTGGTTT TATAAGGAGG GAGGGGTTT Gly Lys Ala Trp Pro Glu Thr Arg 460 465	1629

Fig. 1 (cont'd.)

TAGATGAGTC TTGCTCTTGA	GCCTAGTGAT TTGGGCTTCA	ATGATTTGCA	CATCTAATGT	1689
GAATAGCTCC TAACCACCTG	GTGGGTGCAT GGCTGGCACC	AGACTGTAAA	TCTTTGGGA	1749
TTCTTTGTAC AGAGTCTG	AAAGGAAAAAA AGAGAAAAGG	TTTGGAACTC	CATGCTAGAT	1809
TGCGAGTTCA GAGACAGGTC	CCTGGGGACC	AAAGAACAAAT	CTCGTTCAA CCCTGGATG	1869
CCTCATTGCT TTGAATGGAT	TCATTTTGC TTATAAGCTG	ATTTACTGAA	ATCCCATAAC	1929
CCATCAATGC TGTAAATTT	TTTCTCCCTA	CCCTTATTAC	ATCCCTTAC	1989
GGGGGAAATA CCTGGTTTG	CTTCCCACATCT	ATAATTGAGA	AAGAGGGGG AAAAGATACT	2049
GTATTAGAAT TTGTGTGATC	CTGTGGCACA	ATAGATCAAC	CAACCCATT AAAGCTTAAA	2109
AAAAAAAAAA				2119

Fig. 1 (cont'd.)

FIG. 2

9598-066

(SHEET 5 OF 16)

ପରିବାର ପରିବାର

ACR 1

ACR II

ACR III

ACR IV

FIG. 3

9598-066

(SHEET 6 OF 16)

GTGGGGTCGT ATCCCGCGGG TGGAGGCCGG GGTGGCGCCG GCCGGGGCGG GGGAGCCAA	60
AAGACCGGGCT GCCGCCTGCT CCCCGGAAAA GGGCACTCGT CTCCGTGGGT GTGGCGGAGC	120
GCGCGGTGCA TCGAATGGC TATGTGAATG AAAAAAGGTA TCCGTTATGA AACTTCCAGA	180
AAAACGAGCT ACATTTTCAG GCAGCCGCAG CACGGTCCTT GGCAAAACAAG G ATG AGA	237
Met Arg	
1	
AAA ATA TCC AAC CAC GGG AGC CTG CGG GTG GCG AAG GTG GCA TAC CCC	285
Lys Ile Ser Asn His Gly Ser Leu Arg Val Ala Lys Val Ala Tyr Pro	
5 10 15	
CTG GGG CTG TGT GTG GGC GTG TTC ATC TAT GTT GCC TAC ATC AAG TGG	333
Leu Gly Leu Cys Val Gly Val Phe Ile Tyr Val Ala Tyr Ile Lys Trp	
20 25 30	
CAC CGG GCC ACC GCC ACC CAG GCC TTC TTC AGC ATC ACC AGG GCA GCC	381
His Arg Ala Thr Ala Thr Gln Ala Phe Phe Ser Ile Thr Arg Ala Ala	
35 40 45 50	
CCG GGG GCC CGG TGG GGT CAG CAG GCC CAC AGC CCC CTG GGG ACA GCT	429
Pro Gly Ala Arg Trp Gly Gln Gln Ala His Ser Pro Leu Gly Thr Ala	
55 60 65	
GCA GAC GGG CAC GAG GTC TTC TAC GGG ATC ATG TTT GAT GCA GGA AGC	477
Ala Asp Gly His Glu Val Phe Tyr Gly Ile Met Phe Asp Ala Gly Ser	
70 75 80	
ACT GGC ACC CGA GTA CAC GTC TTC CAG TTC ACC CGG CCC CCC AGA GAA	525
Thr Gly Thr Arg Val His Val Phe Gln Phe Thr Arg Pro Pro Arg Glu	
85 90 95	
ACT CCC ACG TTA ACC CAC GAA ACC TTC AAA GCA GTG AAG CCA GGT CTT	573
Thr Pro Thr Leu Thr His Glu Thr Phe Lys Ala Val Lys Pro Gly Leu	
100 105 110	
TCT GCC TAT GCT GAT GAT GTT GAA AAG AGC GCT CAG GGA ATC CGG GAA	621
Ser Ala Tyr Ala Asp Asp Val Glu Lys Ser Ala Gln Gly Ile Arg Glu	
115 120 125 130	
CTA CTG GAT GTT GCT AAA CAG GAC ATT CCG TTC GAC TTC TGG AAG GCC	669
Leu Leu Asp Val Ala Lys Gln Asp Ile Pro Phe Asp Phe Trp Lys Ala	
135 140 145	
ACC CCT CTG GTC CTC AAG GCC ACA GCT GGC TTA CGC CTG TTA CCT GGA	717
Thr Pro Leu Val Leu Lys Ala Thr Ala Gly Leu Arg Leu Leu Pro Gly	
150 155 160	
GAA AAG GCC CAG AAG TTA CTG CAG AAG GTG AAA GAA GTA TTT AAA GCA	765
Glu Lys Ala Gln Lys Leu Leu Gln Lys Val Lys Glu Val Phe Lys Ala	
165 170 175	
TCG CCT TTC CTT GTA GGG GAT GAC TGT GTT TCC ATC ATG AAC GGA ACA	813
Ser Pro Phe Leu Val Gly Asp Asp Cys Val Ser Ile Met Asn Gly Thr	
180 185 190	
GAT GAA GGC GTT TCG GCG TGG ATC ACC ATC AAC TTC CTG ACA GGC AGC	861
Asp Glu Gly Val Ser Ala Trp Ile Thr Ile Asn Phe Leu Thr Gly Ser	
195 200 205 210	
TTG AAA ACT CCA GGA GGG AGC AGC GTG GGC ATG CTG GAC TTG GGC GGA	909
Leu Lys Thr Pro Gly Gly Ser Ser Val Gly Met Leu Asp Leu Gly Gly	
215 220 225	

FIG. 4

9598-066

4EET 7 OF 16)

GGA TCC ACT CAG ATC GCC TTC CTG CCA CGC GTG GAG GGC ACC CTG CAG Gly Ser Thr Gln Ile Ala Phe Leu Pro Arg Val Glu Gly Thr Leu Gln 230	235	240	957
GCC TCC CCA CCC GGC TAC CTG ACG GCA CTG CGG ATG TTT AAC AGG ACC Ala Ser Pro Pro Gly Tyr Leu Thr Ala Leu Arg Met Phe Asn Arg Thr 245	250	255	1005
TAC AAG CTC TAT TCC TAC AGC TAC CTC GGG CTC GGG CTG ATG TCG GCA Tyr Lys Leu Tyr Ser Tyr Ser Tyr Leu Gly Leu Gly Leu Met Ser Ala 260	265	270	1053
CGC CTG GCG ATC CTG GGC GGC GTG GAG GGG CAG CCT GCT AAG GAT GGA Arg Leu Ala Ile Leu Gly Gly Val Glu Gly Gln Pro Ala Lys Asp Gly 275	280	285	1101
AAG GAG TTG GTG AGC CCT TGC TTG TCT CCC AGT TTC AAA GGA GAG TGG Lys Glu Leu Val Ser Pro Cys Leu Ser Pro Ser Phe Lys Gly Glu Trp 295	300	305	1149
GAA CAC GCA GAA GTC ACG TAC AGG GTT TCA GGG CAG AAA GCA GCG GCA Glu His Ala Glu Val Thr Tyr Arg Val Ser Gly Gln Lys Ala Ala Ala 310	315	320	1197
AGC CTG CAC GAG CTG TGT GCT GCC AGA GTG TCA GAG GTC CTT CAA AAC Ser Leu His Glu Leu Cys Ala Ala Arg Val Ser Glu Val Leu Gln Asn 325	330	335	1245
AGA GTG CAC AGG ACG GAG GAA GTG AAG CAT GTG GAC TTC TAT GCT TTC Arg Val His Arg Thr Glu Glu Val Lys His Val Asp Phe Tyr Ala Phe 340	345	350	1293
TCC TAC TAT TAC GAC CTT GCA GCT GGT GTG GGC CTC ATA GAT GCG GAG Ser Tyr Tyr Tyr Asp Leu Ala Ala Gly Val Gly Leu Ile Asp Ala Glu 355	360	365	1341
AAG GGA GGC AGC CTG GTG GTG GGG GAC TTC GAG ATC GCA GCC AAG TAC Lys Gly Gly Ser Leu Val Val Gly Asp Phe Glu Ile Ala Ala Lys Tyr 375	380	385	1389
GTG TGT CGG ACC CTG GAG ACA CAG CCG CAG AGC AGC CCC TTC TCA TGC Val Cys Arg Thr Leu Glu Thr Gln Pro Gln Ser Ser Pro Phe Ser Cys 390	395	400	1437
ATG GAC CTC ACC TAC GTC AGC CTG CTA CTC CAG GAG TTC GGC TTT CCC Met Asp Leu Thr Tyr Val Ser Leu Leu Gln Glu Phe Gly Phe Pro 405	410	415	1485
AGG AGC AAA GTG CTG AAG CTC ACT CGG AAA ATT GAC AAT GTT GAG ACC Arg Ser Lys Val Leu Lys Leu Thr Arg Lys Ile Asp Asn Val Glu Thr 420	425	430	1533
AGC TGG GCT CTG GGG GCC ATT TTT CAT TAC ATC GAC TCC CTG AAC AGA Ser Trp Ala Leu Gly Ala Ile Phe His Tyr Ile Asp Ser Leu Asn Arg 435	440	445	1581
CAG AAG AGT CCA GCC TCA TAGTGGCCGA GCCATCCCTG TCCCCGTCAG CAGTGTCT Gln Lys Ser Pro Ala Ser 455			1637
GTTGTCTGC ATAAACCCCTC CTGTCTGGG CGTGACTTCA TCCTGAGGAG CCACAGCACA GGCCGTGCTG GCACCTTCTG CACACTGGCT CTGGGACTTG CAGAAGGCCT GGTGCTGCC TGGCATCAGC CTCTTCCAGT CACATCTGGC CAGAGGGCTG TCTGGACCTG GGCCTGCTC			1697 1757 1817

FIG. 4 (cont'd.)

9598-066

(4EET 8 OF 16)

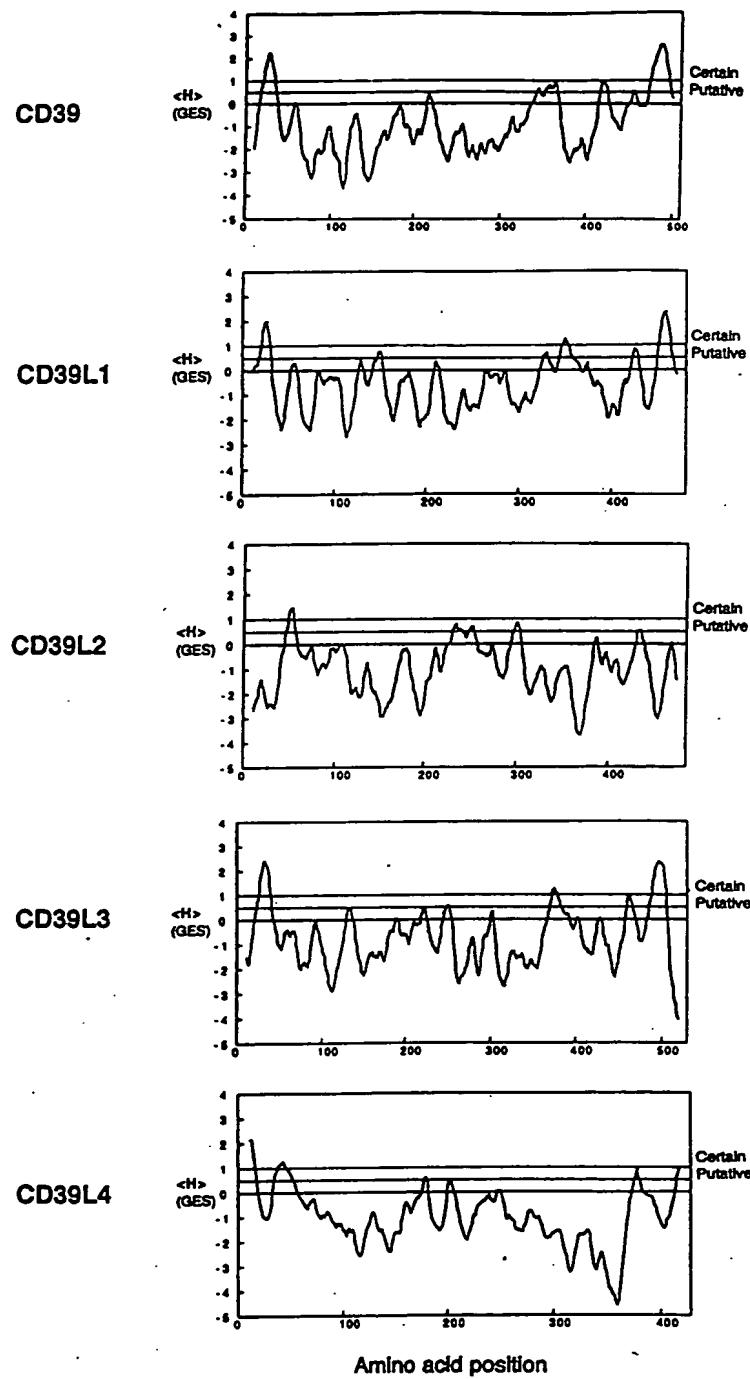
AATGCCACCT	GTCTGCCTGG	GCTCCAAGTG	GGCAGGACCA	GGACAGAAC	ACAGGCACAC	1877
ACTGAGGGG	CAGTGTGGCT	CCCTGCCGTG	CCCATCCCCA	TGCCCGGTCC	GCAGGGCTGT	1937
GGCTGCTGCT	GTGCATGTCC	CTGCGATGGG	AGTCTTGTCT	CCCAGCCGTG	CAGTTTCCCT	1997
CCCAGGGCAG	AGCTCCCCCTT	CCTGCAAGAG	TCTGGGAGGC	GGTGCAGGCT	GTCCCTGGCTG	2057
CTCTGGGGAA	GCCGAGGGAC	AGCCATAACA	CCCCCGGGAC	AGTAGGTCTG	GGCGGCACCA	2117
CTGGGAACTC	TGGACTTGAG	TGTGTTGCT	CTTCCTTGGG	TATGAATGTG	TGAGTTCAC	2177
CAGAGGCC	CTCTCCTCAC	ACATTGTTG	GTTTGGGTT	AATGATGGAG	GGAGACACCT	2237
CTTCATAGAC	GGCAGGGTGC	CACCTTTCAG	GGAGTCTCCC	AGCATGGGCG	GATGCCGGGC	2297
ATGAGCTGCT	GTAAAACTATT	TGTGGCTGT	CTGCTTGAGT	GACGTCTCTG	TCGTGTGGGT	2357
GCCAAGTGT	TGTGTAGAAA	CTGTGTTCTG	AGCCCCCTTT	TCTGGACACC	AACTGTGTCC	2417
TGTGAATGTA	TCGCTACTGT	GAGCTGTTCC	CGCCTAGCCA	GGGCATGTC	TTAGGTGCAG	2477
CTGTGCCACG	GGTCAGCTGA	GCCACAGTCC	CAGAACCAAG	CTCTCGGTGT	CTCGGGCCAC	2537
CATCCCCC	CCTCGGGCTG	ACCCACCTC	CTCCATGGAC	AGTGTGAGCC	CCGGGCCGTG	2597
CATCCCTGCTC	AGTGTGGCGT	CAGTGTCCCC	GCTGAGCCCC	TTGAGCTGCT	TCAGTGAATG	2657
TACAGTGC	GGCACGAGCT	GAACCTCATG	TGTTCCACTC	CCAATAAAAG	GTTGACAGGG	2717
GCTTCTCCTT	CAAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAA		2762

FIG. 4 (cont'd)

9598-066

SHEET 9 OF 16

0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 0



F16.5

9598-066

SHEET 10 OF 16

ACCCACCGCT CTGGCCGGGG GCCGCCCTCG CGGCAGCGCT AGTCGCCCTTC TCCGAATCGG CTCCGCACAG CTAGGAGAAA AG ATG TTC ACT GTG CTG ACC CGC CAA CCA TGT Met Phe Thr Val Leu Thr Arg Gln Pro Cys 1 5 10	60 112
GAG CAA GCA GGC CTC AAG GCC CTC TAC CGA ACT CCA ACC ATC ATT GCC Glu Gln Ala Gly Leu Lys Ala Leu Tyr Arg Thr Pro Thr Ile Ile Ala 15 20 25	160
TTG GTG GTC TTG CTT GTG AGT ATT GTG GTA CTT GTG AGT ATC ACT GTC Leu Val Val Leu Val Ser Ile Val Val Leu Val Ser Ile Thr Val 30 35 40	208
ATC CAG ATC CAC AAG CAA GAG GTC CTC CCT CCA GGA CTG AAG TAT GGT Ile Gln Ile His Lys Gln Glu Val Leu Pro Pro Gly Leu Lys Tyr Gly 45 50 55	256
ATT GTG CTG GAT GCC GGG TCT TCA AGA ACC ACA GTC TAC GTG TAT CAA Ile Val Leu Asp Ala Gly Ser Ser Arg Thr Thr Val Tyr Val Tyr Gln 60 65 70	304
TGG CCA GCA GAA AAA GAG AAT AAT ACC GGA GTG GTC AGT CAA ACC TTC Trp Pro Ala Glu Lys Glu Asn Asn Thr Gly Val Val Ser Gln Thr Phe 75 80 85 90	352
AAA TGT AGT GTG AAA GGC TCT GGA ATC TCC AGC TAT GGA AAT AAC CCC Lys Cys Ser Val Lys Gly Ser Gly Ile Ser Ser Tyr Gly Asn Asn Pro 95 100 105	400
CAA GAT GTC CCC AGA GCC TTT GAG GAG TGT ATG CAA AAA GTC AAG GGG Gln Asp Val Pro Arg Ala Phe Glu Glu Cys Met Gln Lys Val Lys Gly 110 115 120	448
CAG GTT CCA TCC CAC CTC CAC GGA TCC ACC CCC ATT CAC CTG GGA GCC Gln Val Pro Ser His Leu His Gly Ser Thr Pro Ile His Leu Gly Ala 125 130 135	496
ACG GCT GGG ATG CGC TTG CTG AGG TTG CAA AAT GAA ACA GCA GCT AAT Thr Ala Gly Met Arg Leu Leu Arg Leu Gln Asn Glu Thr Ala Ala Asn 140 145 150	544
GAA GTC CTT GAA AGC ATC CAA AGC TAC TTC AAG TCC CAG CCC TTT GAC Glu Val Leu Glu Ser Ile Gln Ser Tyr Phe Lys Ser Gln Pro Phe Asp 155 160 165 170	592
TTT AGG GGT GCT CAA ATC ATT TCT GGG CAA GAA GAA GGG GTA TAT GGA Phe Arg Gly Ala Gln Ile Ile Ser Gly Gln Glu Glu Gly Val Tyr Gly 175 180 185	640
TGG ATT ACA GCC AAC TAT TTA ATG GGA AAT TTC CTG GAG AAG AAC CTG Trp Ile Thr Ala Asn Tyr Leu Met Gly Asn Phe Leu Glu Lys Asn Leu 190 195 200	688
TGG CAC ATG TGG GTG CAC CCG CAT GGA GTG GAA ACC ACG GGT GCC CTG Trp His Met Trp Val His Pro His Gly Val Glu Thr Thr Gly Ala Leu 205 210 215	736
GAC TTA GGT GGT GCC TCC ACC CAA ATA TCC TTC GTG GCA GGA GAG AAG Asp Leu Gly Gly Ala Ser Thr Gln Ile Ser Phe Val Ala Gly Glu Lys 220 225 230	784

Fig. 6

ATG GAT CTG AAC ACC AGC GAC ATC ATG CAG GTG TCC CTG TAT GGC TAC Met Asp Leu Asn Thr Ser Asp Ile Met Gln Val Ser Leu Tyr Gly Tyr 235 240 245 250	832
GTA TAC ACG CTC TAC ACA CAC AGC TTC CAG TGC TAT GGC CGG AAT GAG Val Tyr Thr Leu Tyr Thr His Ser Phe Gln Cys Tyr Gly Arg Asn Glu 255 260 265	880
GCT GAG AAG AAG TTT CTG GCA ATG CTC CTG CAG AAT TCT CCT ACC AAA Ala Glu Lys Lys Phe Leu Ala Met Leu Leu Gln Asn Ser Pro Thr Lys 270 275 280	928
AAC CAT CTC ACC AAT CCC TGT TAC CCT CGG GAT TAT AGC ATC AGC TTC Asn His Leu Thr Asn Pro Cys Tyr Pro Arg Asp Tyr Ser Ile Ser Phe 285 290 295	976
ACC ATG GGC CAT GTA TTT GAT AGC CTG TGC ACT GTG GAC CAG AGG CCA Thr Met Gly His Val Phe Asp Ser Leu Cys Thr Val Asp Gln Arg Pro 300 305 310	1024
GAA AGT TAT AAC CCC AAT GAT GTC ATC ACT TTT GAA GGA ACT GGG GAC Glu Ser Tyr Asn Pro Asn Asp Val Ile Thr Phe Glu Gly Thr Gly Asp 315 320 325 330	1072
CCA TCT CTG TGT AAG GAG AAG GTG GCT TCC ATA TTT GAC TTC AAA GCT Pro Ser Leu Cys Lys Glu Lys Val Ala Ser Ile Phe Asp Phe Lys Ala 335 340 345	1120
TGC CAT GAT CAA GAA ACC TGT TCT TTT GAT GGG GTT TAT CAG CCA AAG Cys His Asp Gln Glu Thr Cys Ser Phe Asp Gly Val Tyr Gln Pro Lys 350 355 360	1168
ATT AAA GGG CCA TTT GTG GCT TTT GCA GGA TTC TAC TAC ACA GCC AGT Ile Lys Gly Pro Phe Val Ala Phe Ala Gly Phe Tyr Thr Ala Ser 365 370 375	1216
GCT TTA AAT CTT TCA GGT AGC TTT TCC CTG GAC ACC TTC AAC TCC AGC Ala Leu Asn Leu Ser Gly Ser Phe Ser Leu Asp Thr Phe Asn Ser Ser 380 385 390	1264
ACC TGG AAT TTC TGC TCA CAG AAT TGG AGT CAG CTC CCA CTG CTG CTC Thr Trp Asn Phe Cys Ser Gln Asn Trp Ser Gln Leu Pro Leu Leu 395 400 405 410	1312
CCC AAA TTT GAT GAG GTA TAT GCC CGC TCT TAC TGC TTC TCA GCC AAC Pro Lys Phe Asp Glu Val Tyr Ala Arg Ser Tyr Cys Phe Ser Ala Asn 415 420 425	1360
TAC ATC TAC CAC TTG TTT GTG AAC GGT TAC AAA TTC ACA GAG GAG ACT Tyr Ile Tyr His Leu Phe Val Asn Gly Tyr Lys Phe Thr Glu Glu Thr 430 435 440	1408
TGG CCC CAA ATA CAC TTT GAA AAA GAA GTG GGG AAT AGC AGC ATA GCC Trp Pro Gln Ile His Phe Glu Lys Glu Val Gly Asn Ser Ser Ile Ala 445 450 455	1456
TGG TCT CTT GGC TAC ATG CTC AGC CTG ACC AAC CAG ATC CCA GCT GAA Trp Ser Leu Gly Tyr Met Leu Ser Leu Thr Asn Gln Ile Pro Ala Glu 460 465 470	1504
AGC CCT CTG ATC CGT CTG CCC ATA GAA CCA CCT GTC TTT GTG GGC ACC Ser Pro Leu Ile Arg Leu Pro Ile Glu Pro Pro Val Phe Val Gly Thr 475 480 485 490	1552

FIG. 6 (cont'd.)

CTC GCT TTC TTC ACA GTG GCA GCC TTG CTG TGT CTG GCA TTT CTT GCA	1600
Leu Ala Phe Phe Thr Val Ala Ala Leu Leu Cys Leu Ala Phe Leu Ala	
495	500
505	
TAC CTG TGT TCA GCA ACC AGA AGA AAG AGG CAC TCC GAG CAT GCC TTT	1648
Tyr Leu Cys Ser Ala Thr Arg Arg Lys Arg His Ser Glu His Ala Phe	
510	515
520	
GAC CAT GCA GTG GAT TCT GAC TGAGCCTCA AAGCAGCTCC TGAGGTCAA TGGC	1703
Asp His Ala Val Asp Ser Asp	
525	
TGCTTAGAGT CAGCCTGGGT GGCACCAGGC AATGCAGGTG AAGTGGCTGC CTTCAGGAAA	1763
TACAACTAAC TAAAATCAAA CACCTAGTC ACGTGCCTCT CAAATACTGA TTTCTGCCAC	1823
AGCACCTCTT GAGGCATCCC TTGGCTTATC TGTCATATT GTTCTTCAGA GACCTCACTA	1883
CCCACATGCT GATCTATTGG GGAACAGAGA AGAGACAGGC CACTAAGGTC AGGCTCTTA	1943
TATTAAGTTC CCCAGAGGAA GAGTAAGTTG AGAAGGTATC AGTTTAATGT TGAAGAATTG	2003
ACCTCAGGGC TCAGTTCCA TTTCCTCCC TCAGTATTCT TCCGGCAAG ATACCCATTA	2063
AGCATTTCGC CAATCAGAAT CTCATTTAT AGTTTTCCC ATTGGTCTT AACTAAGACT	2123
TCTCTTGTAG AATCTCGAA GCAGTGAACC CCCTCAGATC AGTAGAATAT AGTATCTGGG	2183
GGAGAAGACT TACTCCCTTC AGGGCAGCAG CCACAGCCAG GCTTCTGTCA TACAGGTAGA	2243
TCCCGAAGCA CAGAGACATA AAAAAGGTCT CCCAGAAAAC TATAGACCAT TCTCCAAGTG	2303
GAATTCCCAC TTAGGGCTCT GGTCACTAGA TTGCAACCTG TGTGTTTGTCA ATCATCCTCA	2363
TCTCACCAATT GTATTGCTAT GCCCTCCCAT AAAAACACAT TGATCCCCTAG CAAGATTATT	2423
GCATTCCAGA TTTTACTGCC TTGCTAGGC TTTGCTTAG CAAAGGGCTG ACTTCCATT	2483
GTTATCATGG TGATATATT TTTGTCACCA TTCCCACAAAG TATACTTGAT GTTGTCTAG	2543
AACGAACATC CTACTCTATG ATTTACTAAC CAATTACTTT CCCAGATCAT AGACCTCTCT	2603
GCATAGTAGT CATAGGTCTT GACTTTGGG AAAGAAAAGG AAGCTGCAGG AATATTATC	2663
TCCAAAGTCG AATGAGAAAG AACTCCAGCA AATCCAATGG CTACAAACTA AAAATCAGCA	2723
TTATTCATA TTGCTGTTTC TTAGCTGAAT ATGGAATAAA GAACTATTAT TTATTTGTA	2783
AAAAAAAAAA AAAA	2797

FIG. 6 (cont'd.)

9598-066

SHEET 13 OF 16

GCGCGCGCGT	TTTCCTTGT	CCTGGTCAAC	AAAGAAATGT	GGAGTGTCTT	GGCTGAATCC	60	
TCATACAGAC	AAGATCATTA	TGGTGCCTGTT	AGGTAGGACT	TGTATCCAGA	TGTAAGGTTG	120	
AAAAGTGT	ATAATAAAGG	AACCAAGGAG	AAAATTCAAGA	AGGAAAGAAA	AAATTGCCTC	180	
TGCAGGTGTG	CGAGCAGGAT	TGCTTCTGCA	ACAAAAGCCT	CCACCCAGCC	ACATCTTGGG	240	
AAAAGA ATG	GCC ACT	TCT TGG GGC	ACA GTC TTT	TTC ATG CTG	GTG GTA	288	
Met Ala Thr Ser	Trp Gly Thr	Val Phe Phe	Met Leu Val	Val Val			
1	5	10					
TCC TGT	GTT TGC	AGC GCT	TCC CAC	AGG AAC	CAG CAG	ACT TGG TTT	336
Ser Cys Val	Cys Ser Ala	Val Ser His	Arg Asn Gln	Gln Thr Trp	Phe		
15	20	25	30				
GAG GGT	ATC TTC	CTG TCT	TCC ATG	TGC CCC	ATC AAT	GTC AGC GCC AGC	384
Glu Gly Ile	Phe Leu Ser	Ser Met Cys	Pro Ile Asn Val	Ser Ala Ser			
35	40	45					
ACC TTG TAT	GGA ATT	ATG TTT	GAT GCA	GGG AGC	ACT GGA	ACT CGA ATT	432
Thr Leu Tyr	Gly Ile Met	Phe Asp Ala	Gly Ser Thr	Gly Thr Arg	Ile		
50	55	60					
CAT GTT TAC ACC	TTT GTG CAG	AAA ATG CCA	GGG CAG	CTT CCA	ATT CTA	480	
His Val	Tyr Thr Phe	Val Gln Lys	Met Pro Gly	Gln Leu Pro	Ile Leu		
65	70	75					
GAA GGG GAA	GTT TTT GAT	TCT GTG AAG	CCA GGA CTT	TCT GCT	TTT GTA	528	
Glu Gly Glu Val	Phe Asp Ser Val	Lys Pro Gly	Leu Ser Ala	Phe Val			
80	85	90					
GAT CAA CCT AAG CAG	GGT GCT GAG	ACC GTT CAA	GGG CTC TTA	GAG GTG		576	
Asp Gln Pro Lys	Gln Gly Ala	Glu Thr Val	Gln Gly Leu	Leu Glu Val			
95	100	105	110				
GCC AAA GAC TCA ATC	CCC CGA AGT	CAC TGG AAA	AAG ACC CCA	GTG GTC		624	
Ala Lys Asp Ser	Ile Pro Arg Ser	His Trp Lys	Thr Pro Val	Val			
115	120	125					
CTA AAG GCA ACA	GCA GGA CTA CGC	TTA CTG CCA	GAA CAC AAA	GCC AAG		672	
Leu Lys Ala Thr	Ala Gly Leu Arg	Leu Leu Pro	Glu His Lys	Ala Lys			
130	135	140					
GCT CTG CTC	TTT GAG GTA	AAG GAG ATC	TTC AGG AAG	TCA CCT	TTC CTG	720	
Ala Leu Leu Phe	Glu Val Lys	Glu Ile Phe	Arg Lys Ser	Pro Phe	Leu		
145	150	155					
GTA CCA AAG GGC	AGT GTT AGC ATC	ATG GAT GGA	TCC GAC GAA	GGC ATA		768	
Val Pro Lys Gly	Ser Val Ile	Met Asp Gly	Ser Asp Glu	Gly Ile			
160	165	170					
TTA GCT TGG GTT	ACT GTG AAT	TTT CTG ACA	GGT CAG CTG	CAT GGC CAC		816	
Leu Ala Trp Val	Thr Val Asn	Phe Leu Thr	Gly Gln Leu	His Gly His			
175	180	185	190				
AGA CAG GAG	ACT GTG GGG	ACC TTG GAC	CTA GGG GGA	GCC TCC ACC CAA		864	
Arg Gln Glu Thr	Val Gly Thr	Leu Asp	Leu Gly	Gly Ala Ser	Thr Gln		
195	200	205					
ATC ACG TTC CTG	CCC CAG TTT	GAG AAA ACT	CTG GAA CAA	ACT CCT AGG		912	
Ile Thr Phe	Leu Pro Gln	Phe Glu	Thr Leu Glu	Gln Thr Pro	Arg		
210	215	220					
GGC TAC CTC ACT	TCC TTT GAG	ATG TTT AAC	AGC ACT TAT	AAG CTC TAT		960	
Gly Tyr Leu Thr	Ser Phe Glu	Met Phe Asn	Ser Thr	Tyr Lys Leu	Tyr		
225	230	235					

FIG. 7

ACA CAT AGT TAC TTG GGA TTT GGA TTG AAA GCT GCA AGA CTA GCA ACC Thr His Ser Tyr Leu Gly Phe Gly Leu Lys Ala Ala Arg Leu Ala Thr 240 245 250	1008
CTG GGA GCC CTG GAG ACA GAA GGG ACT GAT GGG CAC ACT TTC CGG AGT Leu Gly Ala Leu Glu Thr Glu Gly Thr Asp Gly His Thr Phe Arg Ser 255 260 265 270	1056
GCC TGT TTA CCG AGA TGG TTG GAA GCA GAG TGG ATC TTT GGG GGT GTG Ala Cys Leu Pro Arg Trp Leu Glu Ala Glu Trp Ile Phe Gly Gly Val 275 280 285	1104
AAA TAC CAG TAT GGT GGC AAC CAA GAA GGG GAG GTG GGC TTT GAG CCC Lys Tyr Gln Tyr Gly Gly Asn Gln Glu Gly Glu Val Gly Phe Glu Pro 290 295 300	1152
TGC TAT GCC GAA GTG CTG AGG GTG GTA CGA GGA AAA CTT CAC CAG CCA Cys Tyr Ala Glu Val Leu Arg Val Val Arg Gly Lys Leu His Gln Pro 305 310 315	1200
GAG GAG GTC CAG AGA GGT TCC TTC TAT GCT TTC TCT TAC TAT TAT GAC Glu Glu Val Gln Arg Gly Ser Phe Tyr Ala Phe Ser Tyr Tyr Tyr Asp 320 325 330	1248
CGA GCT GTT GAC ACA GAC ATG ATT GAT TAT GAA AAG GGG GGT ATT TTA Arg Ala Val Asp Thr Asp Met Ile Asp Tyr Glu Lys Gly Gly Ile Leu 335 340 345 350	1296
AAA GTT GAA GAT TTT GAA AGA AAA GCC AGG GAA GTG TGT GAT AAC TTG Lys Val Glu Asp Phe Glu Arg Lys Ala Arg Glu Val Cys Asp Asn Leu 355 360 365	1344
GAA AAC TTC ACC TCA GGC AGT CCT TTC CTG TGC ATG GAT CTC AGC TAC Glu Asn Phe Thr Ser Gly Ser Pro Phe Leu Cys Met Asp Leu Ser Tyr 370 375 380	1392
ATC ACA GCC CTG TTA AAG GAT GGC TTT GGC TTT GCA GAC AGC ACA GTC Ile Thr Ala Leu Leu Lys Asp Gly Phe Gly Phe Ala Asp Ser Thr Val 385 390 395	1440
TTA CAG CTC ACA AAG AAA GTG AAC AAC ATA GAG ACG GGC TGG GCC TTG Leu Gln Leu Thr Lys Lys Val Asn Asn Ile Glu Thr Gly Trp Ala Leu 400 405 410	1488
GGG GCC ACC TTT CAC CTG TTG CAG TCT CTG GGC ATC TCC CAT TGAGGCCAC Gly Ala Thr Phe His Leu Leu Gln Ser Leu Gly Ile Ser His 415 420 425	1539
GTACTTCCTT GGAGACCTGC ATTTGCCAAC ACCTTTTAA GGGGAGGAGA GAGCACTTAG TTTCTGAACG AGTCTGGAC ATCCTGGACT TGAGCCTAGA GATTTAGGTT TAATTAATT TACACATCTA ATGTGAAC TGCTGCTAACCC ACTCAAGAGT ACACAGCTGG CACCGAGAGCA TCACAGAGAG CCCTGTGAGC CAAAAAGTAT AGTTTGGAA CTTAACCTTG GAGTGAGAGC CCAGGGACAG GTCCCTGGAA ACCAAAGAAA AATCGCATT CAACCCCTTG AGTGCCTCAT TCCACTGAAT ATTTAAATT TCCTCTAAA TGTTAAACTG ACTTATTGCA ATCCCAAGAC CCATCAATAT CAGTATTTC TTCCCTCCCTA TACAGTGCCC TGCCCACCC TATCTGCACC CACCTCCCC GAAAAAGAGA GAAAAAAA AAAAAAAA	1599 1659 1719 1779 1839 1899 1959 1998

Fig. 7 (cont'd.)

CD39L2	1	MKKCIRIETTSRKTSYTFQQPGHGPWQTRMRKISHEGSLRVAKVAFLPLGKCVGVF	EVVATG
CD39L4	1	-----	-----
CD39L1	1	-----	-----
CD39L3	1	-----	MFTHLTRQPCBAGAG
CD39	1	-----	-----

ACR I

CD39L2	61	SNHEATAGQPFPSITRAAPFPRNGQAK	PLGTAAGHENVYGLI	DAGS	GLFVEVYI
CD39L4	7	TVPFMLVVSCSAA	SRHQQSTPFGF	SMCPRVSA	PTLPEVYI
CD39L1	1	--MAGV	PLPLPPLP	PLP	PLP
CD39L3	16	MAKTRPPTTIALVLYL	IVVPSITD	TYGIVL	DAGSSHTS
CD39	7	SNHPCSCN	MLDIFPSIIAVIALLAC	QIKRKL	TYVYYVYI

ACR 11

CD39L2 120 FT.RPPPLPTP...HEA...VN PG...SAYAD...V...K...M...O...F...R...L...V...A...K...O...D...I...P...P...K...M...P...L
 CD39L3 67 FVYK...PQGLI...H...G...E...V...S...V...PG...G...M...O...P...K...P...L...V...L...E...V...A...D...I...P...R...S...K...M...P...L
 CD39L1 58 NPAAK...E...N...D...T...G...V...C...G...M...S...C...D...V...P...C...G...S...I...S...Y...A...D...U...P...C...S...I...S...O...L...V...C...L...D...O...N...D...P...T...P...K...M...P...L
 CD39L3 75 NPAAK...E...N...D...T...G...V...C...G...M...S...C...D...V...P...C...G...S...I...S...Y...A...D...U...P...C...S...I...S...O...L...V...C...L...D...O...N...D...P...T...P...K...M...P...L
 CD39 67 NPAAK...E...N...D...T...G...V...C...G...M...S...C...D...V...P...C...G...S...I...S...Y...A...D...U...P...C...S...I...S...O...L...V...C...L...D...O...N...D...P...T...P...K...M...P...L

ACR II

CD39L2	178	VLQATAG_RLL...PCEKA....LIVKKEITP...SPLVODDCVSIINGTC...ECVS...WITI
CD39L4	126	VLQATAG_RLL...PEKKA....LIVKKEITP...SPLVODDCVSIINGTC...ECVS...WITI
CD39L1	114	VLQATAGCHRLLELTPEKKA...LIVKKEITP...SPLVODDCVSIINGTC...ECVS...WITI
CD39L3	135	VLQATAGCHRLLELTPEKKA...LIVKKEITP...SPLVODDCVSIINGTC...ECVS...WITI
CD39	127	VLQATAGCHRLLELTPEKKA...LIVKKEITP...SPLVODDCVSIINGTC...ECVS...WITI

ACR III

CD39L2	235	STGSSL-----SIPCGGSLEVGMLDLEG-STGILFLERVETLTLASPPGYLTALR
CD39L4	183	STCGL-----HCPDQETDMLDLEGSTCITFLPFCGMLQEPRGCVLTSPL
CD39L1	176	GLHNFHLYGNVORP-----PFLKCTVGNFLDLEGSTCITPEETTSPEDRASE-----
CD39L3	193	QMGHFLVHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLHFLH
CD19	185	DLCKGEEETRPEKXVXPYKINNOETGALDLEGSTCITPAGKCKMLPQTS-----

CD39L2	403	LJUVGDFEIIKAXYVCSDLETOPOSSPFSCSHDLAYVLELQE...TCPPASIVKLNLTKRKLHDNVE
CD39L4	350	LKVEDDFERKARVECDPHELTSTCGSPPLSHDLSVTALLERGCFGADSTVVLQTLTKRKVHTE
CD39L1	342	FV.....AFSAFLYTF...FLRTMEXGLPVAAQ...LQ...AAAVVYVCHQ...HQ...
CD39L3	367	FV.....AFVYTFATASALNLSSGG...:SLETFMSSTYHFCSSOKRSOHSRPPPLPKFEDRVY

CD39	357	FG.....SFSALV.....VADLTS.....LMEVAVL.....VPCDQW.....KRTYAGVKKY
CD39L2	462	PSWALCAIYHFDLQKRSPE*G*
CD39L4	462	TGWAALCAIYHFDLQKRSPE*
CD39L5	384DULSRGQYCHDERRFG.....IFP.....SA.....V.....GWD.....LGY.....LHLH.....I.....P.....A.....F.....G.....C
CD39L3	384	PSYCTP.....VYLYT.....PQG.....YF.....T.....A.....P.....I.....H.....P.....E.....R.....E.....V.....S.....L.....G.....Y.....L.....G.....Y.....L.....E.....L.....T.....O.....I.....P.....A.....E.....G.....L

1999-2000: www.ams.org/amsweb/amsweb.html

Fig. 8

peaGDP 1 -----
 potapyrase 1 -----
 CD39L2 1 MKKGIRYETSRKTSYIFQQPQHGPWQTRMKEHNGSLRVAVVYPLGLCVCVYIYI
 CD39L4 1 -----
 dNTPase 1 -----
 yGDPase 1 -----

peaGDP 2 EHLILCLITRHSFSPVHSOYLGNNH. LTSPKIFHNSSEISSYKAK. FDAGSTGSR. HVV
 potapyrase 6 SHETPFLPFLVLPPLSLISKHNVAQI. PGRFLLGSE. IYAH. FDAGSTGSRVHV.
 CD39L2 61 KWERATAHQAFPS. TR. PGARNGRQA. H. SPLE. AA. CHEVYV. I. FDAGSTGSR. RVHV.
 CD39L4 7 TEEFLVHECVCSAVF. T. TEGT. I. LSS. CPE. EVSAST. I. FDAGSTGSR. RVHV.
 dNTPase 37 KISFLCHLISVILLFVPGFVSKASP. PLRFL. SKPGYSKWVQYAA. FDAGSTGSRVHV.
 yGDPase 5 DISILP. HDEPGT. QDSD. KQHYP. ELADA. KSG. ISOTC. SEE. RYV. FDAGSTGSRVHV.

ACR I

peaGDP 61 EPHIONLDDLHISKG. EYVAK. TPGLSSYA. PEOAAKSLIPLL. QADVVPPDDLOPKTPV
 potapyrase 63 EPHNKLGLLPIHNE. EYPMATE. PGLSSYA. DPA. AAHSL. PLLDCA. ECVVPO. LOSE. TPC
 CD39L2 119 QET. EPRETP. PALT. T. EKAVKPGLSE. YADDVKE. I. G. RELLDVAKQD. P. PFDPMKATP.
 CD39L4 66 T. FVON. PGPOL. PILECE. YEVDF. VPKGLS. VDOP. Q. H. C. E. G. L. V. A. D. P. S. H. K. N. KTPV
 dNTPase 96 KPIKESFDMEKLV. L. V. E. F. K. R. K. P. G. S. E. D. P. A. H. A. S. K. Y. L. D. E. S. A. V. P. H. W. S. T. P.
 yGDPase 65 KEP. E. C. T. S. P. P. T. L. D. E. P. F. D. M. E. P. G. L. S. D. T. D. S. V. G. A. A. H. S. L. P. L. K. V. A. M. Y. V. P. I. K. A. R. S. T. P. V

ACR II

peaGDP 121 R. E. G. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. P. D. A. V. S. I. D. G. T. O. E. G. S. Y. L. V. T. V. H. Y.
 potapyrase 123 E. U. C. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. R. D. Q. W. T. I. D. G. T. O. E. G. S. Y. L. V. T. V. H. Y.
 CD39L2 178 V. L. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.
 CD39L4 126 V. L. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.
 dNTPase 156 V. L. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.
 yGDPase 123 A. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.

ACR III

peaGDP 121 R. E. G. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. P. D. A. V. S. I. D. G. T. O. E. G. S. Y. L. V. T. V. H. Y.
 potapyrase 123 E. U. C. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. R. D. Q. W. T. I. D. G. T. O. E. G. S. Y. L. V. T. V. H. Y.
 CD39L2 178 V. L. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.
 CD39L4 126 V. L. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.
 dNTPase 156 V. L. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.
 yGDPase 123 A. K. A. T. A. G. L. R. L. L. G. D. A. E. K. I. Q. O. V. R. D. L. E. N. S. T. F. H. V. K. S. P. E. F. V. G. D. D. C. V. S. I. M. G. C. D. E. G. L. A. V. V. T. V. H. L.

ACR IV

peaGDP 180 LGNLGRHNTK. TVGV. DLGGGSV. V. A. V. S. K. T. A. K. N. A. P. S. V. A. D. G. D. P. Y. K. R. V. V. K. G. I. F. H.
 potapyrase 182 LGNLGRDNTS. T. A. T. D. L. G. G. S. V. V. A. V. S. M. P. Q. P. A. R. A. P. O. D. E. G. D. P. Y. Q. S. K. H. M. S. K. D. V. N.
 CD39L2 236 T. G. E. L. K. T. P. G. G. S. V. V. G. M. L. D. L. G. G. S. T. C. I. A. F. L. P. R. V. E. G. T. H. A. S. P. F. C. V. L. T. A. R. D. E. M. T. Y. K.
 CD39L4 184 T. G. R. L. G. H. T. R. Q. E. T. V. G. T. L. D. L. G. G. S. T. C. I. A. F. L. P. O. F. E. K. T. H. Q. T. P. R. C. Y. L. T. S. F. E. P. R. H. T. Y. K.
 dNTPase 214 T. G. R. L. S. T. R. H. T. A. A. L. D. L. G. G. S. T. C. I. A. F. L. P. O. F. E. K. D. P. D. E. P. V. P. Y. D. K. Y. H. R. V. V. T. S. S. K. H. I. H.
 yGDPase 183 E. G. N. - G. A. G. G. P. K. L. P. T. A. V. F. D. L. G. G. S. T. C. I. V. F. P. E. P. F. P. I. N. E. R. H. V. D. G. E. H. K. F. M. K. P. G. E. H. Y. T.

peaGDP 238 L. Y. H. S. Y. I. M. P. G. R. A. R. A. B. I. L. T. P. F. S. P. M. P. C. L. I. A. S. P. N. G. Y.
 potapyrase 239 L. Y. H. S. Y. I. M. Q. A. R. A. B. I. P. R. S. E. S. M. P. C. L. A. E. C. C. G. Y.
 CD39L2 289 L. Y. H. S. Y. I. M. Q. L. I. M. P. A. R. A. B. I. C. P. E. P. K. D. G. D. N. E. V. Y. S. P. C. L. S. P. G. E. M. E. . .
 CD39L4 237 L. Y. H. S. Y. I. M. Q. L. I. M. P. A. R. A. B. I. C. P. E. P. K. D. G. D. N. E. V. Y. S. A. C. L. P. R. V. L. E. E. . .
 dNTPase 264 L. Y. H. S. Y. I. M. Q. L. I. M. P. A. R. A. B. I. C. P. E. P. K. D. G. D. N. E. V. Y. T. G. Y. I. R. D. T. P. E. S. V. P. E. P. I. X. A. H. R. T. H.
 yGDPase 238 L. Y. Q. S. H. L. G. G. I. M. P. A. R. A. B. I. C. P. E. P. K. D. G. D. N. E. V. Y. D. G. E. H. K. F. M. K. P. G. E. H. Y. T.

peaGDP 276 F. Y. G. G. E. E. R. A. I. T. E. G. E. P. H. A. C. H. T. I. R. T. A. L. K. L. H. P. C. P. Y. Q. H. C. T. F. G. G. W. H. G. S. G. R. G. Q. K. N.
 potapyrase 277 F. Y. G. G. V. D. V. V. K. P. R. S. S. S. T. W. K. O. R. L. T. R. A. L. H. N. C. A. R. E. T. F. N. G. V. W. H. G. S. G. G. D. G. K. N.
 CD39L2 335 E. H. T. E. V. V. A. V. S. G. K. K. L. A. S. H. E. L. C. A. A. R. V. S. E. S. O. N. C. R. T. H. R. T. E. V. V. K. H. V.
 CD39L4 282 I. L. G. G. V. W. V. G. G. O. E. G. E. V. C. P. C. S. E. P. E. V. G. N. C. A. R. V. R. G. K. L. H. Q. P. E. V. V. O. R. G. S.
 dNTPase 308 F. Y. G. V. W. V. G. S. G. K. K. L. A. S. H. E. L. C. A. R. P. I. V. D. F. D. A. C. T. P. E. V. K. S. V. M. P. L. T. E. P. K. P. F. T. I. D. P. A.
 yGDPase 298 L. E. S. K. H. Y. T. T. D. F. I. G. P. D. E. P. S. G. A. S. C. H. P. L. T. D. E. P. I. T. A. C. H. O. C. S. P. P. C. S. F. H. G. V. H. P. S. L. V. R. T. F. K. E. S. H.

peaGDP 332 L. A. S. C. G. E. P. Y. L. P. D. T. G. H. V. D. A. S. T. P. N. I. L. P. V. D. I. S. T. A. K. A. R. E. A. C. A. L. I. F. D. A. R. S. S. P. I. D. O. M. H. V. S.
 potapyrase 333 L. A. S. C. G. E. P. Y. L. P. D. T. G. H. V. D. A. S. T. P. N. I. L. P. V. D. I. S. T. A. K. A. R. E. A. C. A. L. I. F. D. A. R. S. S. P. I. D. O. M. H. V. S.
 CD39L2 379 F. Y. A. F. S. Y. I. Y. D. I. A. G. V. S. P. E. D. A. E. K. G. G. B. L. V. N. C. D. P. E. I. K. S. I. A. P. T. O. D. H. M. I. P.
 CD39L4 326 F. Y. A. F. S. Y. I. Y. D. I. A. G. V. S. P. E. D. A. E. K. G. G. B. L. V. N. C. D. P. E. I. K. S. I. A. P. T. O. D. H. M. I. P.
 dNTPase 360 F. Y. A. F. S. Y. I. Y. D. I. A. G. V. S. P. E. D. A. E. K. G. G. B. L. V. N. C. D. P. E. I. K. S. I. A. P. T. O. D. H. M. I. P.
 yGDPase 358 F. Y. Q. S. H. L. G. G. I. M. P. A. R. A. B. I. C. P. E. P. K. D. G. D. N. E. V. Y. D. G. E. H. K. F. M. K. P. G. E. H. Y. T.

peaGDP 392 F. C. H. D. L. I. Y. T. Q. I. V. L. L. V. D. G. F. G. L. P. L. K. O. I. T. S. G. C. K. I. T. Q. A. R. V. E. A. A. W. P. L. G. E. A. V. E. A. S. H. L. P. K. F. R. M.
 potapyrase 392 F. C. H. D. L. I. Y. T. Q. I. V. L. L. V. D. G. F. G. L. P. L. K. O. I. T. S. G. C. K. I. T. Q. A. R. V. E. A. A. W. P. L. G. C. A. D. W. S. S. T. T. N. K. I. R. M.
 CD39L2 428 F. C. H. D. L. I. Y. T. Q. I. V. L. L. V. D. G. F. G. L. P. L. K. O. I. T. S. G. C. K. I. T. Q. A. R. V. E. A. A. W. P. L. G. C. A. D. W. S. S. T. T. N. K. I. R. M.
 CD39L4 375 F. C. H. D. L. I. Y. T. Q. I. V. L. L. V. D. G. F. G. L. P. L. K. O. I. T. S. G. C. K. I. T. Q. A. R. V. E. A. A. W. P. L. G. C. A. D. W. S. S. T. T. N. K. I. R. M.
 dNTPase 406 F. C. H. D. L. I. Y. T. Q. I. V. L. L. V. D. G. F. G. L. P. L. K. O. I. T. S. G. C. K. I. T. Q. A. R. V. E. A. A. W. P. L. G. C. A. D. W. S. S. T. T. N. K. I. R. M.
 yGDPase 415 F. C. H. D. L. I. Y. T. Q. I. V. L. L. V. D. G. F. G. L. P. L. K. O. I. T. S. G. C. K. I. T. Q. A. R. V. E. A. A. W. P. L. G. C. A. D. W. S. S. T. T. N. K. I. R. M.

peaGDP 452 M. Y. F. V.
 potapyrase 452 A. S. P.
 CD39L2 453 A. S. P.
 CD39L4 429 ---
 dNTPase 462 ---
 yGDPase 471 Q. S. P.